

relacionada ao melhor prognóstico. Dentre os genes cuja expressão alta está associada a uma melhor sobrevida global encontram-se o C5 (complemento 5) ( $p < 0,001$ ) e o nbr1 ( $p < 0,001$ ) envolvidos na resposta imune e regulação da resposta ao estresse respectivamente. Savola e colaboradores, 2011 também observaram um aumento da expressão de C5 relacionada a uma maior sobrevida global e livre de eventos para a corte dos finlandeses.

#### eP2945

##### **A associação do gene SMAD3 com perdas gestacionais recorrentes**

João Matheus Bremm; Marcus Silva Michels; Flávia Gobetti Gomes; Lucas Rosa Fraga; Maria Teresa Vieira Sanseverino  
UFRGS - Universidade Federal do Rio Grande do Sul

Perdas Gestacionais Recorrentes (PGR) são uma das falhas reprodutivas mais comuns, afetando 1-5% dos casais. Embora vários fatores etiológicos já tenham sido estabelecidos, aproximadamente 40-50% dos casos permanecem inexplicáveis. O Smad-3 é um efetor da sinalização da superfamília dos Fatores de Crescimento de Transformação- $\beta$  (TGF- $\beta$ ), regulando a transcrição de muitos genes-alvo das citocinas dessa família. O objetivo deste estudo foi avaliar a influência de uma variante genética no gene SMAD3 (rs17293443; NM\_001145102.1:c.-109-19370T>C), previamente associada ao aumento da longevidade reprodutiva e às gestações gemelares dizigóticas, nas PGR. Um estudo de caso-controle que incluiu 149 mulheres que experimentaram PGR e 159 controles, bem como ferramentas de bioinformática, foi realizado para determinar o papel dessa variante nas PGR (CAAE 89992818300005327; GPPG 2018-0351). Nosso estudo mostrou uma associação alélica ( $p = 0,023$ ) e genotípica ( $P < 0,001$ ) desta variante com as PGR, sendo que o genótipo TT mostrou um aumento quase duas vezes maior no risco de PGR em relação aos genótipos CC e CT. Nosso estudo de predição funcional para essa variante mostrou que ela causa alterações na afinidade de ligação de 24 fatores de transcrição ao DNA. Desses fatores, 4 já estão associados com uma acentuação na transcrição de SMAD3 quando ligados a uma região regulatória. Nosso estudo foi o primeiro a associar diretamente o gene SMAD3 como um possível alvo suscetível para PGR. Já há evidências de que mudanças na expressão de SMAD3 podem comprometer processos-chave para o sucesso de uma gestação como o processo de decidualização e adesão intrauterina, e pode causar falhas nas vias de sinalização dependentes de Smad-3 como a do TGF- $\beta$ .

#### eP3001

##### **Melhoramento do pipeline de análise da microbiota com base em dados de sequenciamento em larga escala (Plataforma Lon Torrent – Thermo Fisher Scientific) da Região V4 do gene codificador da subunidade 16S do rRNA provenientes de amostras fecais humanas**

Laura Bezerra Coutinho; Tiago Falcon Lopes; Ursula da Silveira Matte  
HCPA - Hospital de Clínicas de Porto Alegre

As complexas comunidades microbiológicas presentes nos mais diversos ambientes - inclusive o corpo humano - são o que chamamos de microbiota e a compreensão de sua composição e funcionamento é alvo de grande interesse científico, tendo em vista a gama de interações e funções nas quais ela está envolvida. O metabarcoding a partir do 16S rDNA é, hoje, um método amplamente aplicado em estudos de composição da microbiota. Nesse contexto, as análises bioinformáticas dos dados gerados enfrentam o grande desafio da garantia de qualidade e reprodutibilidade dos resultados. Pipelines de análise padronizadas são uma alternativa para essa questão, no entanto, o uso de parâmetros apropriados podem gerar impacto direto nos resultados obtidos. O objetivo deste trabalho foi, portanto, elucidar a influência de parâmetros de análise nos resultados de análises de dados de 16S rDNA referentes à microbiota intestinal humana, utilizando como referência o pipeline do BMP - Brazilian Microbiome Project. Para isso foram comparados os resultados de diferentes combinações entre índices de confiabilidade, classificadores e pipelines para clusterização. Nossos resultados indicam diferenças claras entre a aplicação de diferentes parâmetros ao pipeline, gerando diferentes efeitos na quantidade de taxa identificadas, de OTUs classificadas e na precisão da classificação. Resultados de combinações de classificadores e índices de confiança apresentam variações entre os dois pipelines de clusterização, no USEARCH havendo pouca diferenciação com a alteração dos classificadores e no VSEARCH apresentando maiores disparidades - com destaque para o Mothur, cujos resultados de número de taxa identificadas e OTUs classificadas foram acima dos demais, não respondendo inclusive ao aumento do índice de confiança. Destacamos ainda o papel da remoção de sequências quiméricas na qualidade dos resultados. Com isso, salientamos a importância da inclusão em estudos de microbiota de detalhes dos parâmetros e métodos aplicados, garantindo a validação, qualidade e reprodutibilidade do resultado. Compreender os pipelines aplicados e os efeitos de seus parâmetros é essencial. Testar diferentes pipelines e variações dos parâmetros é recomendável.

#### eP3141

##### **Qualificação do atendimento à saúde por meio da automatização dos processos de entrega de software**

Gabriel Alabarse Hernandez; Renato F M Malvezzi; Jacson Antonio Gardin Crauss; Daniel Cerqueira Devilla; Matheus Lorenzoni Cruz; Rogerio da Silva Vieira; Jardel Gugel; Alan Baronio Menegotto; Rogerio Silveira Vaucher; Felipe Moraes Caccia  
HCPA - Hospital de Clínicas de Porto Alegre

Introdução: Na medida em que os sistemas de informação aumentam de tamanho e de importância para a execução da atividade do negócio, aumenta também a complexidade do processo de entrega de software. Esta complexidade é multiplicada em ambientes hospitalares do tamanho do HCPA e exponencialmente elevada quando falamos de um sistema do tamanho e importância do AGHUse. Por muito tempo, praticamente todos os processos necessários para entregar novas funcionalidades e correções do AGHUse eram manuais, o que demandava uma equipe de três pessoas exclusivamente para gerenciar e executar este processo, gerando dispêndio de recursos, baixa qualidade, demora, falta de padronização, necessidade de recursos especializados e baixa escalabilidade. Objetivo: Qualificar a entrega de novas funcionalidade e correções do AGHUse em produção por meio da revisão dos processos e utilização de novas técnicas e tecnologias visando reduzir o trabalho manual, agregando agilidade, padronização, qualidade e ganho de escala. Para atingir os objetivos considerou-se necessária a automatização dos processos de merge de tarefas, reintegração de entregas, scripts de banco, validações de qualidade e deploys, prevendo atualizações corretivas, incrementais e emergenciais com o mínimo de interação humana. Métodos: Revisão e redesenho dos processos com a participação das áreas envolvidas; Prospecção e identificação das ferramentas, técnicas e tecnologias a serem utilizadas; Transferência dos